

CAMBIOS GENÓMICOS EN EL ORF DEL GEN HN DEL RUBULAVIRUS PORCINO

Sánchez I*¹, Trujillo M¹, Doporto JM¹, Mendoza S², Alonso R¹, Becerra A⁴, Reyes J³

1. FMVZ, UNAM. 2. FES Cuautitlán, UNAM. 3. Centro de Investigaciones Biomedicas, IMSS, Puebla. 4. Proteína Animal S.A. de C.V. Guadalajara.

Introducción

El Rubulavirus porcino es causante de la enfermedad del Ojo Azul y pertenece a la familia *Paramyxoviridae*, está constituido por seis proteínas estructurales: L, NP, P, M y dos glicoproteínas, la hemaglutinina-neuraminidasa (HN) y la glicoproteína de fusión (F). La hemaglutinina-neuraminidasa (HN) posee dos dominios funcionales, uno con capacidad para aglutinar eritrocitos y otro que se encarga de la eliminación de grupos de ácido siálico, siendo esta, la proteína a la cual se dirigen la mayor cantidad de anticuerpos (Santos-López et al. 2004).

Materiales y métodos

Se utilizaron tres cepas virales aisladas en diferentes años, provenientes de la zona Bajío de la República Mexicana, las cuales fueron replicadas en la línea celular vero y se obtuvo el ARN viral con el método descrito por GibcoBRL Life Technologies December, 1996. Para la amplificación del gen HN se utilizó la técnica de RT-PCR descrita por Sánchez et al., 2003. Una vez observado el gen HN mediante la electroforesis, fue purificado por el método de perlas de sílica, el cual se empleó como templado para obtener la secuencia de nucleótidos correspondientes al ORF del gen HN. La reacción de secuencia se preparó mediante el KIT "BigDye terminator Cycle Sequencing" (PE, Applied Biosystems Foster, CA USA). Las secuencias obtenidas fueron editadas y alineadas con la secuencia del virus LPM reportada por Sundqvist A, et al 1992, utilizando el programa Contig Manager (DNAsis 2.6 for Windows) DNA and Protein Sequence Analysis System.

Resultados

Al comparar los 1728 nucleótidos correspondientes al ORF del gen HN de cada uno de los aislamientos se identificó

que el virus PAC 4, presenta 2 mutaciones con respecto al virus LPM; el virus PAC 3 presenta 24 mutaciones en diferentes puntos del genoma, PAC 2 tiene 20 mutaciones de las cuales todas corresponden a las mutaciones que presenta el virus PAC 3.

Discusión

Las secuencias genómicas del ORF del gen HN que se obtuvieron a partir de aislamientos virales, obtenidos en diferentes brotes, nos permiten identificar los cambios genómicos que ha sufrido el virus a través del tiempo, en donde se observa, mediante la elaboración de un árbol filogenético, que los virus obtenidos se encuentran ligados al virus LPM, aislado en 1984; Existen reportes de diferencias antigénicas encontradas mediante ensayos inmunológicos a partir de aislamientos virales, obtenidos en diferentes años, que sugieren cambios a nivel genómico (Reyes Leyva J, et al., 2002; Sánchez BJI, et al., 2004), que pueden estar asociados a estos cambios genéticos del Rubulavirus porcino

Bibliografía

Sánchez BJI, Trujillo OME, Doporto DJM, Reyes LJ, Mendoza ES (2004). XL Reunión Nacional de Investigación Pecuaria. Pg.51
Santos-López G, Flores E, Baños R, Herrera-Camacho I, Reyes-Leyva J (2004). Arch Med Vet 36 (2): en prensa.
Reyes-Leyva J, Santos G, Hernández J, Espinosa B, Borrás MT, Vallejo V, Zenteno E. Mensaje Bioquímico Volumen XXVI, 2002. Pp 99-127.
Sánchez Betancourt JI, Trujillo Ortega ME, Doporto Díaz JM, Reyes Leyva J. 2004. Tesis de Maestría.